

Copyright (c) 1993 - 2002 Compugen Ltd.

OM protein - protein search, using sw model

Run on: December 19, 2002, 14:56:02 ; Search time 39 Seconds (without alignments)

Scoring table: BLOSUM62 Gapop 10.0 , Gapext 0.5

Searched: 908470 seqs, 13250620 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 908470

Minimum DB seq length: 0

Maximum DB seq length: 200000000

Post-processing: Minimum Match 0% Maximum Match 100% Listing first 45 summaries

Database : A_Geneseq_101002:*

1: /SIDS2/gcadata/geneseq/geneseq-emb1/AA1980.DAT:*

2: /SIDS2/gcadata/geneseq/geneseq-emb1/AA1981.DAT:*

3: /SIDS2/gcadata/geneseq/geneseq-emb1/AA1982.DAT:*

4: /SIDS2/gcadata/geneseq/geneseq-emb1/AA1983.DAT:*

5: /SIDS2/gcadata/geneseq/geneseq-emb1/AA1984.DAT:*

6: /SIDS2/gcadata/geneseq/geneseq-emb1/AA1985.DAT:*

7: /SIDS2/gcadata/geneseq/geneseq-emb1/AA1986.DAT:*

8: /SIDS2/gcadata/geneseq/geneseq-emb1/AA1987.DAT:*

9: /SIDS2/gcadata/geneseq/geneseq-emb1/AA1988.DAT:*

10: /SIDS2/gcadata/geneseq/geneseq-emb1/AA1989.DAT:*

11: /SIDS2/gcadata/geneseq/geneseq-emb1/AA1990.DAT:*

12: /SIDS2/gcadata/geneseq/geneseq-emb1/AA1991.DAT:*

13: /SIDS2/gcadata/geneseq/geneseq-emb1/AA1992.DAT:*

14: /SIDS2/gcadata/geneseq/geneseq-emb1/AA1993.DAT:*

15: /SIDS2/gcadata/geneseq/geneseq-emb1/AA1994.DAT:*

16: /SIDS2/gcadata/geneseq/geneseq-emb1/AA1995.DAT:*

17: /SIDS2/gcadata/geneseq/geneseq-emb1/AA1996.DAT:*

18: /SIDS2/gcadata/geneseq/geneseq-emb1/AA1997.DAT:*

19: /SIDS2/gcadata/geneseq/geneseq-emb1/AA1998.DAT:*

20: /SIDS2/gcadata/geneseq/geneseq-emb1/AA1999.DAT:*

21: /SIDS2/gcadata/geneseq/geneseq-emb1/AA2000.DAT:*

22: /SIDS2/gcadata/geneseq/geneseq-emb1/AA2001.DAT:*

23: /SIDS2/gcadata/geneseq/geneseq-emb1/AA2002.DAT:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	DB ID	Description
1	2994	100.0	567	23	AA017756
2	2974	99.3	567	23	ABB57054
3	2886.5	96.4	568	18	AAW24431
4	2886.5	96.4	568	21	AAW24436
5	2886.5	96.4	568	23	AA017757
6	2886.5	96.4	690	18	AAW24428
7	2880.5	96.2	568	17	AAW3146
8	2859	95.5	567	22	AAW6715
9	2849	95.2	567	17	AAW9259
10	2726	91.0	543	18	AAW27432

RESULT 1

ID	AA017756	standard; protein: 567 AA.
AC	AA017756;	
XX		
DT	15-AUG-2002	(first entry)
DE	Murine CD40 receptor-associated factor 1 (CRAF1).	
XX		
KW	Mouse; CD40 receptor-associated factor 1; CRAF1; organ rejection; autoimmune disease; apoptosis; infection; fibrosis; liver disease; kidney disease; vascular disease; gastrointestinal disease; vasotropism; immunosuppressive; antiinflammatory; nephrotic; antiallergic; antidiarrhoeal; anti-thyroid; antirheumatic; antiarthritic; cardiotonic; dermatological; haemostatic; antidiabetic; antiarteriosclerotic; antipsoriatic; bladder disease; human herpesvirus 4; Epstein-Barr virus.	
XX		
OS	Mus sp.	
XX		
PN	US2002031522-A1.	

ALIGMENTS

RESULT 2	Db	481	YDALLPPFPFKQVYTLIMQMDGSSRRHLGDAFKEDPNSSSFKRPTGEMNIASGCPVFAQT	540
ABB57054	ID	541	VLENGTYVKKDDTFIKVIVDSDLDP	567
ABB57054 standard	Protein	541		
XX	XX	541	VLENGTYVKKDDTFIKVIVDSDLDP	567
AC	AC	541	VLENGTYVKKDDTFIKVIVDSDLDP	567
XX	XX	541	VLENGTYVKKDDTFIKVIVDSDLDP	567
DT	07-MAR-2002	(first entry)		
DE	Mouse ischaemic condition related protein sequence	SBQ	ID NO:98.	
XX	Mouse	ischaemic	condition	
KW	ischaemia; compressive ischaemia; occlusive ischaemia;			
XX	vasospastic ischaemia; ischaemic condition; ischaemic disease.			
OS	Mus	musculus.		
XX	PN	W0200188188-A2..		
XX	PD	22-NOV-2001.		
XX	PF	18-MAY-2001; 2001WO-JP04192.		
XX	PR	18-MAY-2000; 2000JP-0145977.		
XX	PA	(UYN1-) UNIV NIHON SCHOOL JURIDICAL PERSON.		
XX	PI	Ishikawa, K., Asai, S., Takahashi, Y., Nagata, T., Ishii, Y.;		
XX	DR	WPI: 2002-034733/04.		
XX	DR	N-SSDB; AB199264.		
PT	Examining the ischemic condition (e.g. occlusive ischemia) by measuring expression levels of particular genes defined in the specification or by determining the expression profile of a gene group comprising these genes -			
XX	PS	Claim 2; Page 297-300; 2690PP; English.		
CC	The present invention describes a method for examining ischaemic conditions, comprising measuring the expression levels of particular genes (1) in a test sample or determining the expression profile of a gene group in the sample comprising genes selected from (1). The method is useful for examining the ischaemic condition (e.g. compressive ischaemia, occlusive ischaemia or vasospastic ischaemia) by measuring expression levels of particular genes (AB199202 to AB99912, encoding the protein sequences in ABB7020 to ABB5734) or by determining the expression profile of a gene group comprising these genes. The expression levels or expression profiles produced by these genes are used as an indicator when screening for ischaemic diseases-improving drugs or therapeutics for ischaemic diseases. AB199913 and AB199914 represent PCR primers for a mouse ischaemic condition related sequence, which are used in the exemplification of the present invention.			
SQ	Sequence	567 AA;		
	Query Match	99.3%	Score	2974;
	Best Local Similarity	99.5%	DB	23;
	Matches	564;	Length	567;
	Conservative	1;		
	Mismatches	2;		
	Indels	0;		
	Gaps			
Qy	1	MESSKKMDAAGTLPNNPPKLPQDPGAGSVLVPQGGYKEFKVIVDYEYKCEKCRLLV	C	60
	1	MESSKKMDAAGTLPNNPPKLPQDPGAGSVLVPQGGYKEFKVIVDYEYKCEKCRLLV	C	60
Db	1	NPKQTECGHRCESMAALLSSSSKCTACQESIKDKFKDNCKRELALQYCRNG	120	
	1	NPKQTECGHRCESMAALLSSSSKCTACQESIKDKFKDNCKRELALQYCRNG	120	
Db	61	NPKQTECGHRCESMAALLSSSSKCTACQESIKDKFKDNCKRELALQYCRNG	120	
	61	NPKQTECGHRCESMAALLSSSSKCTACQESIKDKFKDNCKRELALQYCRNG	120	

OY	121 RGCAEQLTIGHLLVHLKNECQQFELPCILRADKEVKVLRKDJDHVACKYKREATCCHK 180	FT	Region	177..197 Cys-153, His-165 and Cys-170"
Db	121 RGCAEQLTIGHLLVHLKNECQQFELPCILRADKEVKVLRKDJDHVACKYKREATCCHK 180	FT	/note=	"zinc finger 3 (Zn binding to Cys-177,
OY	181 SQVPMIKLQKHEIDDCPCVWVCPHKESCVTILSELSAHESECVNAPSTCFFKRGCV 240	FT	Region	Cys-180, His-192 and Cys-197"
Db	181 SQVPMIKLQKHEIDDCPCVWVCPHKESCVTILSELSAHESECVNAPSTCFFKRGCV 240	FT	204..225	/note= "zinc finger 4 (Zn binding to Cys-204,
OY	241 QSTQNQIKAHEASSAVOHNLKESWUSLSEKSVLQNESEVKNKSIOSLHNQICFE 300	FT	Cys-208, His-221 and Cys-225",	
Db	241 QSTQNQIKAHEASSAVOHNLKESWUSLSEKSVLQNESEVKNKSIOSLHNQICFE 300	FT	/note= "zinc finger 5 (Zn binding to Cys-232,	
OY	301 IERQEMLRNNESKILHQLRVIDSQAEKLKEDETRPFRQWEADSMSKSSVESQNRV 360	XX	Region	Cys-239, His-251 and 259-381"
Db	301 IERQEMLRNNESKILHQLRVIDSQAEKLKEDETRPFRQWEADSMSKSSVESQNRV 360	XX	PD	25-SEP-1997.
OY	361 TELESVDKSAGKARNTGLESQSLRSDQTSVHDRLADMDLRFQYLETASYNGLWK 420	XX	PF	97WO-US05076.
Db	361 TELESVDKSAGKARNTGLESQSLRSDQTSVHDRLADMDLRFQYLETASYNGLWK 420	XX	PR	18-SEP-1996;
OY	421 IRDYKRRKQEAVNGKTLSYSPFYTGFGKMCARYLNGDMGKGTHLISLFFVIMRG 480	XX	PR	96US-0025584.
Db	421 IRDYKRRKQEAVNGKTLSYSPFYTGFGKMCARYLNGDMGKGTHLISLFFVIMRG 480	XX	PR	21-MAR-1996;
OY	541 VENGTIVKDDTIFIKIVTDSDLPP 567	XX	PR	96US-0016626.
Db	541 VENGTIVKDDTIFIKIVTDSDLPP 567	XX	PR	01-MAY-1996;
		PA	96US-0016659.	
RESULT 3		(UFCO) UNIV COLUMBIA NEW YORK.		
ID	AAW27431	XX	PI	Cleary AM, Frank DM, Iederman S;
XX	AAW27431 standard; Protein: 568 AA.	XX	DR	WPI: 1997-47907/44.
AC	AAW27431;	XX	DR	N-PSDB; ANT90123.
XX		XX	PT	Protein comprising CRAFL-1b domain capable of inhibiting CD40 mediated cell activation - useful to treat conditions characterised by aberrant or unwanted level of CD40 mediated intracellular signalling
DE	Human CRAFL-a (TRAF-3-p55) polypeptide.	XX	PS	Example 1; Fig 1D-O; 158pp; English.
XX		XX	CC	This polypeptide comprises a CRAFL (TRAF-3) protein designated CRAFL-a or TRAF-3-p55, p55, CRAFL(p55), TRAF-3(p55) or CRAFL(p50).
CC		CC	CC	It is encoded by exons 4-13 of the human CRAF gene (see ANT90123).
CC		CC	CC	CRAFL-a is a signalling protein that interacts with the cytoplasmic tail of B cell surface molecule CD40 and mediates a variety of T-dependent effects on B cell activation and differentiation. A
CC		CC	CC	higher mol. wt. CRAFL, designated CRAFLb (see AAW27428), has also been identified, as well as isoforms p5 (see AAW27429), p15 (see AAW27430) and variants of CRAFL-a and CRAFL-b (see AAW27432-37) that comprise different combinations of zinc fingers. CRAFL peptides, comprising from 0-4 zinc finger domains, and nucleic acids encoding them, can be used to inhibit CD40 ligand activation of cells that express CD40 on their surface, particularly by introducing the nucleic acid molecule into the cells, useful to treat conditions characterised by an aberrant or unwanted level of CD40 mediated intracellular signalling, such as organ rejection, or a CD40 dependent immune response in a subject receiving gene therapy. The condition may be an allergic response or an autoimmune response, or may be dependent on CD40 ligand-induced activation of epithelial cells, an inflammatory kidney disease, a smooth muscle cell-dependent disease, or a condition associated with Epstein-Barr virus.
CC		CC	CC	Sequence 568 AA:
OS		SQ	Query Match 96.4%; Score 2886.5; DB 18; Length 568; Best Local Similarity 96.1%; Pred. No. 4.7e-22; Matches 546; Conservative 7; Mismatches 14; Indels 1; Gaps 1;	
PH	Key			
FT	Region			
FT	Location/Qualifiers			
FT	117..141			
FT	note= "zinc finger 1 (Zn binding to Cys-117,			
FT	Cys-124, His-136 and Cys-141)",			
FT	148..170			
FT	note= "zinc finger 2 (zinc binding to Cys-148,			
Region				

FT Region 270..292 Cys-246, His-258 and Cys-263]"
 FT /note= "zinc finger 2 (zinc binding to Cys-270,
 FT Cys-275, His-287 and Cys-292"
 FT 299..319 /note= "zinc finger 3 (Zn binding to Cys-299,
 FT 326..347 Cys-302, His-314 and Cys-319"
 FT Region /note= "zinc finger 4 (Zn binding to Cys-326,
 FT 330, His-343 and Cys-347)"
 FT Region /note= "zinc finger 5 (Zn binding to Cys-354,
 FT Cys-361, His-373 and His-381"
 FT Binding-site 16..19 /note= "putative SH3 binding motif"
 FT Binding-site 44..47 /note= "putative SH3 binding motif"
 FT Binding-site 103..110 /note= "putative SH3 binding motif"
 FT W09734473-A1.
 XX BD 25-SEP-1997.
 XX PR 21-MAR-1997; 97WO-US05076.
 XX PR 18-SEP-1996; 96US-0026584.
 PR 21-MAR-1996; 96US-0013820.
 PR 01-MAY-1996; 96US-0016626.
 PR 01-MAY-1996; 96US-0016659.
 XX (UYCO) UNIV COLUMBIA NEW YORK.
 PA XX Cleary AM, Frank DM, Lederman S;
 PR XX WPI: 1997-479307/44.
 DR XX N-PSDB; AAT90123.
 XX PR Protein comprising CRAF1-b domain capable of inhibiting CD40
 PT mediated cell activation - useful to treat conditions characterised
 PT by aberrant or unwanted level of CD40 mediated intracellular
 PT signalling
 XX PS Example 1: Fig 1A-O; 150pp; English.

XX This polypeptide comprises a CRAF1 (TRAF-3) protein designated
 CC CRAF1-b or TRAF-3-p70 or p70 or CRAF1(p70) or TRAF-3(p70). It
 CC is encoded by exons 1-2 and 4-13 of the human CRAF gene (see
 CC AAT90123). A lower mol.wt. CRAF1, designated CRAF1a (see AAW27431), has
 CC also been identified, as well as isoforms p5 (see AAW27429), p15 (see
 CC AAW27430) and variants of CRAF1 and CRAF1-b (see AAW27432-37) that
 CC comprise different combinations of zinc fingers. CRAF1 peptides,
 CC comprising from 0-4 zinc finger domains, and nucleic acids encoding
 CC them, can be used to inhibit CD40 ligand activation of cells that
 CC express CD40 on their surface, particularly by introducing the
 CC nucleic acid molecule into the cells, useful to treat conditions
 CC characterised by an aberrant or unwanted level of CD40 mediated
 CC intracellular signalling such as organ rejection, or a CD40
 CC dependent immune response in a subject receiving gene therapy. The
 CC condition may be an allergic response or an autoimmune response, or
 CC may be dependent on CD40 ligand-induced activation of epithelial
 CC cells, an inflammatory kidney disease, a smooth muscle cell-
 CC dependent disease, or a condition associated with Epstein-Barr
 virus.
 XX SQ Sequence 690 AA;

Query Match 96.4%; Score 2886.5; DB 18; Length 690;
 Best Local Similarity 96.1%; Pred. No. 6.2e-232;
 Matches 546; Conservative 7; Mismatches 14; Indels 1; Gaps 1;

QY 1 MESSKKMDAAGTQOPNPPKKLQPDRGAGS-VLVEQGGYKEVKVTKVEDKYKCEKCRIVL 59
 |||||||: ||| |||||: ||| |||: ||||||||||||||||||| |||||

Db 123 MESSKKMDAAGTQOPNPLKHTDRSAGTIVFVFPQGGKKEFKVTKVYKCEKCHLV 182
 QY 60 CNPKQTEGHRICESMAALLSSSSPKCTACQESTIKVFKDNCCKRETTALOYCRNE 119
 |||||||: ||| |||||: ||| |||: ||| |||: ||| |||: ||| |||: ||| |||: ||| |||: ||| |||: ||| |||:
 Db 183 CSPKQTEGHRIFCESMAALLSSSSPKCTACQESTIKVFKDNCCKRETTALOYCRNE 242
 QY 120 GRCGAEOLTLGHLLVHNEQFEELPCLRADCKEVKVLKDRLDVEKACKYRBCSIC 179
 |||||||: ||| |||||: ||| |||: ||| |||: ||| |||: ||| |||: ||| |||: ||| |||: ||| |||:
 Db 243 SRGCAGQTLGHLLVHLLNDCHFEELPCKVRPDKCKVRLRDKLDRHVEKACKYRBCSIC 302
 QY 180 KSQVPMTLQKHEDTCPVVWSCPHRSVOTLSELSELASHLSECVNADSTCSKRYGCV 239
 |||||||: ||| |||||: ||| |||: ||| |||: ||| |||: ||| |||: ||| |||: ||| |||:
 Db 303 KSQVPMTLQKHEDTCPVVWSCPHRSVOTLSELSELASHLSECVNADSTCSKRYGCV 362
 QY 240 FGTTNQOQKAHEASSAVOHVNLIKEWSNLSKEVKSLLQNEVEKNSKSIOSLHQCSFET 299
 |||||||: ||| |||||: ||| |||: ||| |||: ||| |||: ||| |||: ||| |||:
 Db 363 FGTTNQOQKAHEASSAVOHVNLIKEWSNLSKEVKSLLQNEVEKNSKSIOSLHQCSFET 422
 QY 300 ETERQKEMLRNNEKSLHLQRVIDSQAEKULKEDEKIRPRFRQNEADESMKSSYSLQR 359
 |||||||: ||| |||||: ||| |||: ||| |||: ||| |||: ||| |||: ||| |||:
 Db 423 ETERQKEMLRNNEKSLHLQRVIDSQAEKULKEDEKIRPRFRQNEADESMKSSYSLQR 482
 QY 360 VTELESVDSKASQAAQARNTGLIESQLSRHDQTLSDHDIRLADMDFRQVETASINGVLW 419
 |||||||: ||| |||||: ||| |||: ||| |||: ||| |||: ||| |||:
 Db 483 VTELESVDSKASQAAQARNTGLIESQLSRHDQTLSDHDIRLADMDFRQVETASINGVLW 542
 QY 420 KIRDYKRRQEAWMGKTLSLYSQSFYTGFGYKMCARVYNGDGMGKGTHLSLFFVIMRG 479
 |||||||: ||| |||||: ||| |||: ||| |||: ||| |||: ||| |||:
 Db 543 KIRDYKRRQEAWMGKTLSLYSQSFYTGFGYKMCARVYNGDGMGKGTHLSLFFVIMRG 602
 QY 480 EYDALLPPKFKYVTLMDQGSSRRTGIAFKPPNNSPSSPKPGEMNTASGGPPVVAQ 539
 |||||||: ||| |||||: ||| |||: ||| |||: ||| |||:
 Db 603 EYDALLPPKFKYVTLMDQGSSRRTGIAFKPDNPNSSSPKPGEMNTASGGPPVVAQ 662
 QY 540 TWLENGLYIYKDDTIFIKVIVVTDLDP 567
 |||||||: ||| |||||: ||| |||:
 Db 663 TVLENGLYIYKDDTIFIKVIVVTDLDP 690

RESULT 7
 AAW03146 standard; Protein; 568 AA.
 ID AAW03146
 XX AC AAW03146;
 XX DT 23-OCT-1996 (first entry)
 XX DE LMP1 associated protein 1A1.
 XX LMP1; LMP1 associated protein 1; latent infection membrane protein;
 KW tumour necrosis factor receptor associated factor; TRAF;
 KW signal transduction; TNF; lymphoblast; tumorigenesis; AIDS;
 KW Hodgkin's disease; Burkitt's lymphoma; nasopharyngeal carcinoma;
 KW mononucleosis; Epstein-Barr virus; EBV; therapy.
 XX OS Homo sapiens.
 XX Key Location/Qualifiers
 FT 245..568 /Label= LMP1-Binding_domain
 FT 309..341 /Label= Coiled_coil_domain
 FT 406..568 /Label= Carboxy-terminal domain
 FT W09620723-A1.
 XX PN
 XX PD 11-JUL-1996.
 XX PF 28-DEC-1995; 95WO-US16980.
 XX PR 30-DEC-1994; 94US-0367540.

PA.	541	TYIENGTVIKDDTIFIKIVDSDLDPD	568
XX	RESULT	8	
XX	AA67615		
PI	ID	AAB67615	standard: Protein: 567 AA.
PI	XX		
Wore C;	XX		
DR	XX		
N-PSDB; AATT1273.	XX		
XX	XX		
PT	PT		Compounds and methods for controlling TRAF-mediated signals - by
PT	modulating interactions between Epstein Barr virus encoded proteins		LMP1, LAPI, TNF, TNFR to inhibit lymphoblast growth and
PT	LMP1, LAPI, TNF, TNFR to inhibit lymphoblast growth and		tumourigenesis.
XX	XX		
PS	Claim 74; Page 58-60; 87pp; English.		
XX			A novel human B-cell protein (AAW03146), termed LMP1 associated protein 1 or LAPI, strongly associates with the cytoplasmic C-terminal domain (AAW03148) of Epstein-Barr virus (EBV) latent infection membrane protein 1 (LMP1), a domain that is stringently required for transformed cell growth. LAPI is related to murine tumour necrosis factor receptor associated factor TRAF2. A related novel B-cell protein (AAW03147), EB16, appears to be the human homologue of murine TRAF1. LAPI polypeptides, esp. the LMP1 binding domain, coiled coil domain and C-terminal domain can be used to inhibit LMP1-TRAF interaction.
CC	Such polypeptides, which may be obt. by recombinant means (see also Art31213) can be used to treat infection and control cell growth or tumourigenesis associated with LMP1-encoding viruses, partic. EBV.		
CC			
CC			
XX	Sequence	568 AA;	
XX			
Query Match	96.2%; Score 2880.5;	DB 17;	Length 568;
Best Local Similarity	96.0%;	Pred. No. 1.5e-231;	
Matches	545;	Conservative	
	7;	Mismatches	15;
		Indels	1;
		Gaps	1;
QY	1	MESKKMDAAGTIQPNPPKLQPDGAGS-VLVPEQGGYKEKVKTFEDKYCEKCRVLV	59
Db	1	MESSKKMDPSGALQTNPPLKLQPDGAGS-VLVPEQGGYKEKVKTFEDKYCEKCRVLV	60
QY	60	CNPKQTECHRFCESCMAALLSSSSPKCTACOBESIKIKDKVKDNCKREILALQYCRNE	119
Db	61	CSPKQTECGRFCESCMALLSSSSPKCTACOBESIKIKDKVKDNCKREILALQYCRNE	120
QY	120	GRGCCAQDQLTGHLLVHLKNECQFEEELPCRLADCKEVKVLKDRLDVKRACKYKRETCSC	179
Db	121	SRGCAEQDLMGLHLVHLKNDLCHFEELPCRLADCKEVKVLKDRLDVKRACKYKRETCSC	180
QY	180	KSQVPMIKLQHEDDCPCCVVSPCKHGSVQTLRSELTAHSECVNAPSTCSFKRYGCC	239
Db	181	KSQVPMILQHEDDCPCCVVSPCKHGSVQTLRSELTAHSECVNAPSTCSFKRYGCC	240
QY	240	FOGTTNQOQIAHEASSAVYHVNLLIKEWSNSLEKSVLQNSNEVKNKSIOSLHQICSPF	299
Db	241	FOGTTNQOQIAHEASSAVYHVNLLIKEWSNSLEKSVLQNSNEVKNKSIOSLHQICSPF	300
QY	300	EIERQKEMRNNEKSILHLQRQVDSQAERKKEDETRPFRQWEADSQKSSVSLQRN	359
Db	301	EIERQKEMRNNEKSILHLQRQVDSQAERKKEDETRPFRQWEADSQKSSVSLQRN	360
QY	360	VTELESVDSKAGQARNTGTLLESQSLRHDQTLVSDHDTLADMRLRFOVLTETASYNGVILW	419
Db	361	VTELESVDSKAGQARNTGTLLESQSLRHDQTLVSDHDTLADMRLRFOVLTETASYNGVILW	420
QY	420	KIRDYKRRKQEAQMGKTLISLQSPFQYFGYKMCARLYLNGDMGKTHLSEFFVIMRG	479
Db	421	KIRDYKRRKQEAQMGKTLISLQSPFQYFGYKMCARLYLNGDMGKTHLSEFFVIMRG	480
QY	480	EYDALLPWFQKQVTLMDQGSSRRHGDADFQDPNNSFSKPTGEMNIAASCQCPVFAQ	539
Db	481	EYDALLPWFQKQVTLMDQGSSRRHGDADFQDPNNSFSKPTGEMNIAASCQCPVFAQ	540
QY	540	TYIENGTVIKDDTIFIKIVDSDLDPD	567
XX	Sequence	567 AA;	
XX			
Query Match	95.5%; Score 2859;	DB 22;	Length 567;
Best Local Similarity	95.6%;	Pred. No. 9.2e-230;	
Matches	543;	Conservative	
	7;	Mismatches	16;
		Indels	2;
		Gaps	1;
QY	1	MESKKMDAAGTIQPNPPKLQPDGAGS-VLVPEQGGYKEKVKTFEDKYCEKCRVLV	59
Db	1	MESSKKMDPSGALQTNPPLKLQPDGAGS-VLVPEQGGYKEKVKTFEDKYCEKCRVLV	60
QY	60	CNPKQTECHRFCESCMAALLSSSSPKCTACOBESIKIKDKVKDNCKREILALQYCRNE	119
Db	61	CSPKQTECGRFCESCMALLSSSSPKCTACOBESIKIKDKVKDNCKREILALQYCRNE	120
QY	120	GRGCCAQDQLTGHLLVHLKNECQFEEELPCRLADCKEVKVLKDRLDVKRACKYKRETC	179
Db	121	SRGCAEQDLMGLHLVHLKNDLCHFEELPCRLADCKEVKVLKDRLDVKRACKYKRETC	180

Waldenstroem's macroglobulinaemia; amyloidosis; Sjogren's syndrome;
 KW ARDS; oesophageal dysmotility; inflammatory bowel disease;
 KW bladder disease; Epstein-Barr virus; mononucleosis; B cell tumour;
 KW Burkitt's lymphoma; nasopharyngeal carcinoma; pneumonia;
 KW gene therapy; diagnosis.
 XX Homo sapiens.
 XX
 Key location/Qualifiers
 FH Domain 52..122
 FT /label= CRAF-b domain
 FT /note= "Claim 1"
 Region 239..263
 FT /note= "zinc finger 1 (Zn binding to Cys-239,
 Cys-246, His-258 and Cys-263)"
 Region 270..292
 FT /note= "zinc finger 2 (zinc binding to Cys-270,
 Cys-275, His-287 and Cys-292"
 Region 299..319
 FT /note= "zinc finger 3 (Zn binding to Cys-299,
 Cys-302, His-314 and Cys-319"
 Binding-site 16..19
 FT /note= "putative SH3 binding motif"
 Binding-site 44..47
 FT /note= "putative SH3 binding motif"
 Binding-site 103..110
 FT /note= "putative SH3 binding motif"
 XX WO9734473-A1.
 PN 25-SEP-1997.
 XX 21-MAR-1997; 97WO-US05076.
 XX 18-SEP-1996; 96US-0026584.
 PR 21-MAR-1996; 96US-0013820.
 PR 01-MAY-1996; 96US-0016626.
 PR 01-MAY-1996; 96US-0016659.
 XX (UYCO) UNIV COLUMBIA NEW YORK.
 XX
 PI Cleary AM, Frank DM, Lederman S;
 XX
 WPI: 1997-479907/44.
 DR N-PSDB; AAT90123.
 XX
 Protein comprising CRAF1-b domain capable of inhibiting CD40
 PT mediated cell activation - useful to treat conditions characterised
 PT by aberrant or unwanted level of CD40 mediated intracellular
 PT signalling
 XX
 Example 1; Fig 1A-0; 158pp; English.
 XX
 This polypeptide comprises a CRAF1 (TRAF-3) protein designated
 CC p700e19 that is encoded by exons 1-2, 4-8 and 10-13 of the human
 CC CRAF gene (see AAT90123). Different isoforms (AAW27428-37) of CRAF1
 CC have been identified that arise from alternative splicing. CRAF1
 CC peptides comprising from 0-4 zinc finger domains, and nucleic acids
 CC encoding them, can be used to inhibit CD40 ligand activation of
 CC cells that express CD40 on their surface, particularly by
 CC introducing the nucleic acid molecule into the cells, and used to
 CC treat conditions characterised by an aberrant or unwanted level of
 CC CD40 mediated intracellular signalling, such as organ refection, or
 CC a CD40 dependent immune response in a subject receiving gene
 CC therapy. The condition may be an allergic response or an
 CC autoimmune response, or may be dependent on CD40 ligand-induced
 CC activation of epithelial cells, an inflammatory kidney disease, a
 CC smooth muscle cell-dependent disease, or a condition associated
 CC with Epstein-Barr virus.
 XX
 Sequence 665 AA;

Query Match 91.0%; Score 2726; DB 18; Length 665;

Best Local Similarity 91.7%; Pred. No. 1.5e-218;
 Matches 521; Conservative 7; Mismatches 14; Indels 26; Gaps 2;

QY 1 MESSKKMDAAAGTLQPNNPKLQPDGAGS-VLVPEDQGYKEKEVKTVEDKYKECKRLYL 59
 Db 123 MESSKKMDAAAGTLQPNNPKLQPDGAGS-VLVPEDQGYKEKEVKTVEDKYKECKRLYL 182
 QY 60 CNPKQTECGIRFCECSMAALISSSPKCTACQESIKDKVFKDNCKRKRLAQYVCNE 119
 Db 183 CSPKQTECGIRFCECSMAALISSSPKCTACQESIKDKVFKDNCKRKRLAQYVCNE 242
 QY 120 GRGCACQLTGHLYVHNIKNGCQFESTPCIRADCEKVKLDRDHRVERACKYFATCSH 179
 Db 243 SRGCACQLTGHLYVHNIKNGCQFESTPCIRADCEKVKLDRDHRVERACKYFATCSH 302
 QY 180 KSVQPMIKLQKHEDTPCPVWSCPHKCSYQVTLRSELSEAHLCVNAESTCSFKRIGC 239
 Db 303 KSVQPMIKLQKHEDTPCPVWSCPHKCSYQVTLRSELSEAHLCVNAESTCSFKRIGC 339
 QY 240 FQGTMQOKIAEASSAVQHNLKWEWSNEKVKLQHNEVEKNSKLSLHNOICSEI 299
 Db 340 -GTNQQKIAHEASSAVQHNLKWEWSNEKVKLQHNEVEKNSKLSLHNOICSEI 397
 QY 300 EIERQEMMLRNNESKLHLQRLVQDLSQAEKULKEIRPFRQNEADSMKSSVQLNR 359
 Db 398 EIERQEMMLRNNESKLHLQRLVQDLSQAEKULKEIRPFRQNEADSMKSSVQLNR 457
 QY 360 VTELESVDSKAQGQARNTGLESQSLSRHQLTSHDIRDMLRFOVLTETASYNGVILW 419
 Db 458 VTELESVDSKAQGQARNTGLESQSLSRHQLTSHDIRDMLRFOVLTETASYNGVILW 517
 QY 420 KIRDYKRRKOBAVMGKTLSSLYSOPPTGFGYKMCARVVLNGDGMGK37HLSLEFVIRG 479
 Db 518 KIRDYKRRKOBAVMGKTLSSLYSOPPTGFGYKMCARVVLNGDGMGK37HLSLEFVIRG 577
 QY 480 BYDALLPWPFPKQVTLMLMDOGSSRRHL3DAFKPDPNNSFFKPTGEMMIAASGPVFWAQ 539
 Db 578 BYDALLPWPFPKQVTLMLMDOGSSRRHL3DAFKPDPNNSFFKPTGEMMIAASGPVFWAQ 637
 QY 540 TYLLENQTYIKDITFIRKVWTDSDP 567
 Db 638 TYLLENQTYIKDITFIRKVWTDSDP 665
 RESULT 12
 AAR98833
 ID AAR98833 standard; Protein; 543 AA.
 XX
 AC AAR98833;
 XX
 DT 23-MAR-1998 (first entry)
 XX
 DE CD40 associated protein (CAP)-1.
 XX
 CD40 associated protein (CAP)-1.
 XX
 CD40 associated protein; CAP; agonist; antagonist; gene therapy;
 KW cell proliferation; treatment; cancer; autoimmune disease.
 XX
 OS Homo sapiens.
 XX
 Key Location/Qualifiers
 FH Domain 53..91
 FT /note= "RING finger domain"
 FT Domain 117..141
 FT /note= "zinc finger domain 1"
 FT Domain 148..170
 FT /note= "zinc finger domain 2"
 FT Domain 177..197
 FT /note= "zinc finger domain 3"
 FT Domain 384..540
 FT /note= "TRAF domain"
 XX
 PN WO9616665-A1.
 XX

CC	p70del8,9 that is encoded by exons 1-2, 4-7 and 10-13 of the human	KW	CD40 receptor associated factor 1; Craf1-a; TRAF-3; P55;
CC	gene (see AAT90123). Different isoforms (AAW27128-37) of Craf1	KW	have been identified that arise from alternative splicing. Craf1
CC	peptides comprising from 0-4 zinc finger domains, and nucleic acids	KW	peptides comprising from 0-4 zinc finger domains, and nucleic acids
CC	encoding them, can be used to inhibit CD40 ligand activation of	KW	cells that express CD40 on their surface, particularly by
CC	introducing the nucleic acid molecule into the cells, and used to	KW	treat conditions characterised by an aberrant or unwanted level of
CC	CD40 mediated intracellular signalling, such as organ rejection, or	KW	a CD40 dependent immune response in a subject receiving gene
CC	therapy. The condition may be an allergic response or an	KW	autoimmune response, or may be dependent on CD40 ligand-induced
CC	activation of epithelial cells, an inflammatory kidney disease, a	KW	smooth muscle cell-dependent disease, or a condition associated
CC	with Epstein-Barr virus.	KW	
XX		Sequence 638 AA;	
	Query Match 85 %; Score 2558.5; DB 18; Length 638;		
	Best Local Similarity 87.0%; Pred. No. 1.3e-204;		
	Matches 494; Conservative 7; Mismatches 14; Indels 53; Gaps 2;		
OY	1 MESSKKMDAAGTLQPNPPKLUQPDGAGS-VLPIPEQGGYKEKEVKTVEDKYCEKCRVLF 59	OS	
Db	: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :		
RESULT 15			
ID AAW27434	standard; Protein: 512 AA.		
AC AAW27434:			
DT 27-MAR-1998	(first entry)		
XX Human Craf1 isoform p55del9,10.			
XX			

CC and used to treat conditions characterised by an aberrant or
 CC unwanted level of CD40 mediated intracellular signalling, such as
 CC organ rejection, or a CD40 dependent immune response in a subject
 CC receiving gene therapy. The condition may be an allergic response
 CC or an autoimmune response, or may be dependent on CD40 ligand-
 CC induced activation of epithelial cells, an inflammatory kidney
 CC disease, a smooth muscle cell-dependent disease, or a condition
 CC associated with Epstein-Barr virus.

XX	Sequence	512 AA;	Query Match	85.3%	Score	2552.5;	DB	18;	Length	512;	
			Best Local Similarity	86.3%	Pred.	No.	3e-204;	7;	Mismatches	490;	
			Matches	490;	Conservative		14;	Indels	57;	Gaps	2;
QY	1	MESKKKMDAAGTQLQPPPLKIQPDAGGS	VLVPHQGGYKEKFVTKDVKYKCEKCRVLV	59							
Db	60	CNPKQPECGRFCESMAAIISSSSPKCTACQESTIKDKVFKDNCCKRETLALOYCRRE	119								
QY	61	CSPKQFBCGHRFCESMAAIISSSSPKCTACQESTIKDKVFKDNCCKRETLALOYCRNE	120								
QY	120	GRGCACGQTLGHLLVHLVNLKNEQFELPCIRACCKVRLRDWEKACKYRATCSC	179								
Db	121	SRGCACGQTLGHLLVHLVNLKNEQFELPCIRACCKVRLRDWEKACKYRATCSC	180								
QY	180	KSQVPMKTLQKHEDTDCPCVWVSCPKHCSWQTLRSELSAHLSECVNAPSTCSFKRYGCY	239								
Db	181	KSQVPMKTLQKHEDTDCPCVWVSCPKHCSWQTLRSELSEVNLKESLKKVSLQNESEVKNSIOSHLNQICSFEI	244								
QY	240	PGGTNGQOQIAHEASSAVOHVNLKESLKKVSLQNESEVKNSIOSHLNQICSFEI	299								
Db	218	-----VSLLQNESEVKNSIOSHLNQICSFEI	244								
QY	300	ELEQKEMLRNNESKILHLQVIDSAEKKLDEIRPRKRNLREADESKSSESLSQR	359								
Db	245	ETEROKEMLRNNESKILHLQVIDSAEKKLDEIRPRKRNLREADESKSSESLSQR	304								
QY	360	VTELESVDKSAQGAARNVGLLESQSLSRHDQTLVSDHDLRQLFQVLETASTNGVLW	419								
Db	305	VTELESVDKSAQGAARNVGLLESQSLSRHDQTLVSDHDLRQLFQVLETASTNGVLW	364								
QY	420	KIRDYKRKRQEAQVGMGKTLSLSQPFVGYGYKMCARVYLGDGGMGKGTHLSLFFFVIMRG	479								
Db	365	KIRDYKRKRQEAQVGMGKTLSLSQPFVGYGYKMCARVYLGDGGMGKGTHLSLFFFVIMRG	424								
QY	480	EYDALLWPFPFKQKVTLMLDQGSRHLGDFKPPNNSRKKPQGEMNIAASGCIVFVAQ	539								
Db	425	EYDALLWPFPFKQKVTLMLDQGSRHLGDFKPDNPSSKKPQGEMNIAASGCIVFVAQ	484								
QY	540	TYLENGTYIKDDTIFKIVVTSLDP	567								
Db	485	TYLENGTYIKDDTIFKIVVTSLDP	512								

Search completed: December 19, 2002, 15:00:24
 Job time : 40 secs